我国大豆分子设计育种成果与展望

田志喜[1*]　刘宝辉[2]　杨艳萍[3]　李　明[1]　姚　远[4]　任小波[4]　薛勇彪[1]

1 中国科学院遗传与发育生物学研究所　北京　100101
2 中国科学院东北地理与农业生态研究所　哈尔滨　150081
3 中国科学院文献情报中心　北京　100190
4 中国科学院　重大科技任务局　北京　100864

摘要　大豆是重要的粮油兼用作物，同时也是人类优质蛋白及畜牧业饲料蛋白的主要来源，在我国粮食结构中占有重要地位。目前，我国育种技术主要以常规育种为主，大豆科学研究和生产水平明显落后于美国。通过中国科学院战略性先导科技专项（A类）“分子模块设计育种创新体系”的实施，已经鉴定到若干高产、优质分子模块，解析了部分重要农艺性状的模块耦合效应，创制了一批大豆优异种质材料，成功培育多个高产、优质的初级模块大豆新品种，初步建立了大豆分子模块设计育种体系。未来，应继续加强种质资源的系统评价、挖掘利用和创制，推动自主性整合公共数据库构建，健全数据共享机制，大力开展大豆高产稳产突破性技术和豆粕替代饲料的研究，加快分子设计育种和人工智能育种创新体系建设，培育具有突破性的大豆新品种，创制绿色高效栽培技术，增强我国大豆自产能力，缓解大豆需求缺口。

关键词　大豆，育种技术，分子模块设计育种，分子模块，模块耦合与组装

DOI　10.16418/j.issn.1000-3045.2018.09.004

1 我国大豆产业与科研现状

1.1 大豆是我国食用油和饲料的主要来源，供需矛盾日益突出

大豆是重要的粮食作物和经济作物，为人类提供丰富优质的油脂和蛋白资源。无论大豆油还是作为饲料的豆粕，我国一直都是消费大国，消费量居世界第一位。仅 2017 年，我国消费大豆油 1 740 万吨，占全球消费总量的 30.9%；消费豆粕 7 407 万吨，占全球消费总量的 31.7%[①]。

随着人口增长、人民生活水平提高和饮食结构的变化，我国对大豆的需求逐年增加，供求矛盾日益突出。

*通讯作者
资助项目：中国科学院战略性先导科技专项（A类）（XDA08000000）
修改稿收到日期：2018年8月27日
① USDA. https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/advQuery.

1995年以前我国一直是大豆净出口国。1995年，国家调整大豆进出口政策，增加进口，减少出口，我国首次成为大豆进口国，随后呈逐年上升趋势。2000年进口突破1 000万吨，2010年突破5 000万吨，2017年高达9 553万吨。目前，我国大豆对外依存度高达87%以上，为世界最大的大豆进口国，且2017年的进口主要来源于巴西、美国和阿根廷，分别占我国进口总量的53%、34%和7%②。

1.2 我国大豆生产和科研水平落后于美国

自1978年以来，经过大豆育种学家的不懈努力，我国已经培育了1 800多个大豆新品种，在生产上品种更换了4—5次，使大豆单产提高140%。但是，与国外大豆主要生产国相比，我国大豆单产还有很大差距。目前，巴西、美国和阿根廷等大豆生产大国的大豆平均产量已经高于3 000公斤/公顷（相当于200公斤/亩）；与之相比，我国大豆平均单产长期以来在120公斤/亩左右徘徊。

近年来，我国大豆科研水平有了明显提升，但与美国相比，还有相当大的差距。对1916—2017年间大豆相关研究的SCI论文进行统计，结果表明，美国以绝对的数量和质量优势占据全球大豆研究发文量的首位，其研究论文总量占全球总发文量的44%，且发文量排名前10位的机构均来自美国，Top10%的高被引论文数量也排名第一，占高被引论文总量的一半以上。在大豆相关发明专利授权数量上，美国也雄踞榜首。通过大豆核心专利的技术布局分析发现，核心专利和相关技术主要掌握在孟山都、陶氏-杜邦等美国公司手中，这些公司通过对大豆种子技术的掌控来实现对产业链源头的垄断。在育种技术上，美国育种公司已经开始了分子育种，而我国基本以传统育种方式为主，在育种效率和对具体性状的精确改良上明显落后于美国。

2 大豆分子模块设计育种成果

通过中国科学院战略性先导科技专项（A类）“分子模块设计育种创新体系”的实施，我国在分子模块鉴定、分子模块耦合效应解析、初级分子模块设计品种培育等方面都取得了较好的进展，初步建立了大豆分子模块设计育种体系。相关研究成果发表于*Nature Biotechnology*、*Nature Genetics*、*Molecular Plant*等国际期刊，申请和获得发明专利20多项。

2.1 分子模块鉴定

大豆是光周期敏感的短日照植物，这限制了大豆的种植区域。中国科学院东北地理与农业生态研究所（以下简称“东北地理所”）孔凡江和刘宝辉团队、中国科学院遗传与发育生物学研究所（以下简称“遗传发育所”）田志喜团队和中国科学院华南植物园侯兴亮团队合作，克隆了大豆长童期基因*J*。该基因突变型可推迟低纬度条件下（短日照）大豆开花时间，比野生型提高产量30%—50%。通过功能分析揭示了大豆特异的光周期调控开花的PHYA(E3E4)-J-E1-FT遗传网络模型。群体遗传学分析发现，*J*基因在适应低纬度大豆品种中至少存在8种功能缺失型等位变异，该研究为大豆在低纬度地区的生产奠定了重要的理论基础。相关研究结果于2017年发表在*Nature Genetics*[1]。国内外学术期刊*Nature Plants*、*Chinese Bulletin of Botany*等作了专文评述：“研究结果为大豆热带地区适应性理论的揭示和应用打开了一扇大门”。此研究成果入选了《国家自然科学基金资助项目优秀成果选编（七）》。

百粒重是大豆产量的重要构成因子，受多个遗传位点调控，目前有关大豆百粒重基因的克隆和种子形成的分子机制研究还较少。遗传发育所张劲松和陈受宜团队与黑龙江省农业科学院满为群和来永才等团队合作，利用全基因组重测序，通过对野生大豆ZYD7和栽培大豆HN44的重组自交系群体材料进行QTL分析，发现一个来源于野生大豆控制大豆百粒重的优势基因*Glyma17g33690*（*PP2C*），其作用机制是与油菜素内酯

② 农业部市场与经济信息司。农产品供需形势分析月报。[2018-02-11]。http://www.moa.gov.cn/ztzl/nybrl/rlxx/201802/P020180211534950278328.pdf。

BR信号通路的转录因子（GmBZR1等）相互作用，通过去磷酸化激活这些转录因子来促进下游控制种子大小的基因表达以提高粒重。群体遗传分析发现，近40%的栽培大豆不含*PP2C-1*基因型，该基因型导入到不含该位点的大豆品种中有望进一步提高现有大豆品种产量。相关研究结果于2017年发表在*Molecular Plant*[2]。中国科学院植物研究所贺超英团队与东北农业大学合作，通过对栽培大豆SN14和野大豆ZYD0006杂交群体的QTL及两个亲本差异表达基因的共定位分析发现，*GmWRKY15a*非翻译区中CT重复数目的变异影响其表达量，很可能与大豆种子大小及其驯化有关。这一工作首次发现了WRKY转录因子参与调控大豆种子大小，为理解大豆驯化过程和机制提供了新的思路。相关研究结果于2017年发表在*Journal of Experimental Botany*[3]。

大豆叶柄夹角影响冠层结构、光合作用效率，并最终影响产量，是大豆的重要农艺性状之一，但叶柄夹角的调控机制尚不明确。东北地理所冯献忠团队与中国农业科学院和美国普渡大学研究团队合作，通过分析大豆叶柄夹角增大的*gmilpa1*突变体，鉴定了控制大豆叶柄夹角的*GmILPA1*基因。该基因编码APC8-like蛋白，并通过与*GmAPC13a*互作形成复合体来行使功能。研究还发现，*GmILPA1*基因主要在叶原基基部细胞表达，可能是通过促进细胞增殖及分化以控制叶枕形态。相关研究结果于2017年发表在*Plant Physiology*[4]。

大豆是重要的油料作物，种子油脂含量是大豆最重要的品质性状之一。驯化过程中的人工选择使大豆种子中油脂含量不断提高。遗传发育所田志喜团队和中国科学院昆明动物研究所王文团队联合攻关，对302份代表性大豆种质进行了深度重测序和基因组分析，在驯化阶段鉴定出121个强选择信号，在品种改良阶段鉴定出109个强选择信号，进一步分析发现至少96个选择信号和油相关的性状有关，说明大豆产油性状受到强烈人工选择，形成复杂的网络系统共同调控油的代谢，从而引起了不同种质油相关性状的变异。该研究还定位了一些重要农艺性状的分子模块，如控制花周期的*E1*，控制生长习性的*Dt1*，控制绒毛颜色的*T*等，为大豆重要农艺性状调控网络的研究奠定了重要基础。相关研究2015年发表于*Nature Biotechnology*[5]。此研究成果入选了2016年出版的《国家自然科学基金资助项目优秀成果选编（六）》。遗传发育所张劲松和陈受宜团队通过转录组分析，构建了大豆籽粒油分的基因共表达网络，从中鉴定出油脂快速合成时期种子偏好表达的转录因子*GmZF351*，其编码串联CCCH锌指蛋白。功能分析发现，过表达*GmZF351*能够显著提高转基因拟南芥和大豆种子的油脂含量。群体遗传分析发现，*GmZF351*在驯化中受到人工选择，其单倍体型来自于野生大豆III型，与高基因表达量、启动子活性和油脂含量相关联。该研究对提高大豆品质和价值具有重要意义，相关研究于2017年发表在*Plant Physilogy*[6]。

此外，通过“分子模块设计育种创新体系”先导专项，还定位了一批与开花期和分枝相关的分子模块，如*QNE1*、*qFT12-1*、*TMS22*等。另外，还在豆科特异丢失基因、重要基因家族进化上取得了一些重要进展[7-13]，探讨了它们在大豆驯化过程中的作用，为后续大豆分子模块挖掘和设计育种奠定了理论基础。

2.2 大豆重要性状分子模块耦合效应

不同复杂性状间的耦合是分子设计育种的关键科学问题。产量、品质等性状大都是多基因控制的复杂性状，由于受到一因多效和遗传连锁累赘的影响，一些性状在不同材料和育种后代中协同变化，呈现出耦合性相关。解析复杂性状间耦合的遗传调控网络，明确关键调控单元，对分子设计育种具有重要意义。遗传发育所田志喜团队联合该所王国栋、朱保葛以及华盛顿州立大学张志武等多家团队对809份大豆栽培材料的84个产量和品质性状进行了连续多年多点的观测，发现不同性状间呈现不同程度的相关性。进而，利用全基因组关联分析对84个性状的调控位点进行了系统的全基因组扫描，鉴定出245个显著性关联位点。关联位点间的连锁不平衡

分析显示其中115个关联位点可相互连锁，形成复杂的多性状多位点调控网络，这些位点将所观测的51个性状连结起来，很好地解释了不同性状间的耦合关系。在该调控网络中，23个关联位点发挥重要节点作用，对不同性状的形成起到了关键调控作用。该研究为大豆的分子设计育种提供了重要的理论基础，对于提高大豆的品质和产量具有非常重要的意义。相关研究于2017年发表在 *Genome Biology*[14]。

2.3 大豆初级分子模块新品种培育

四粒荚分子模块 *ln* 可提高大豆单荚粒数，目前已广泛应用于东北地区大豆高产品种培育，而在黄淮海地区夏大豆主产区应用较少。遗传发育所朱保葛和田志喜团队通过将四粒荚优异等位变异 *ln-C*（分子模块）导入不含该模块的大面积主推底盘品种"中黄13"和"科豆1号"中，培育出5个四粒荚比例和产量都明显增加的夏大豆新品系和新品种，如"科豆15""科豆16""科豆17""科豆18""科豆30"。通过在安徽宿州、淮北和河南西华等地多年不同种植规模的鉴定结果表明，这5个新品系（种）的实收每公顷产量分别达到3 105.0公斤、2 965.2公斤、3 141.0公斤、3 000.5公斤和3 034.5公斤，较当地主栽品种（即各自底盘品种）分别增产9.3%、7.83%、10.6%、8.24%和8.62%（四粒荚比例增幅范围15.2%—21.47%），这些材料正在参加国家或省级区域试验，其中"科豆17"新品种2017年完成了河南省区试和生试全部程序，于2018年3月13日经河南省农作物品种审定委员会审定通过，该品种两年区试平均公顷产量3 215.55公斤，比对照品种"豫豆22"平均增产5.07%；一年生产试验公顷产量3 034.8公斤，比对照"豫豆22"增产6.11%。该品种已转让给安徽永民种业公司开发经营，并申请安徽省引种备案，目前在黄淮海主产区两个夏大豆种植面积最大的省份——安徽省和河南省已示范推广1万亩以上，正在迅速扩大应用。

黑龙江作为我国大豆主产省份，在生产上存在早熟、中早熟品种单产低且稳定性较差等问题。在"分子模块设计育种创新体系"先导专项支持下，东北地理所刘宝辉和孔凡江团队结合分子模块育种理念，通过将早熟模块 *e1-as* 导入底盘品种中，选育了中早熟、高油、高光效、高产品种"东生77"，早熟、高油、高产品种"东生78"和高油高产品种"东生79"。"东生77"于2015年5月通过黑龙江省农作物品种审定委员会审定，平均每公顷产量为3 226.3公斤，较对照品种绥农26增产7.3%，累计示范推广面积78万亩，增加经济效益2 511万元，适宜于黑龙江省所在的第二积温带种植。"东生78"于2017年1月通过黑龙江省农作物品种审定委员会审定，比对照品种"合丰50"平均增产10.2%，累计示范推广面积2.5万亩，增加经济效益93.7万元。"东生79"于2018年1月通过黑龙江省农作物品种审定委员会大豆专业委员会审定，两年区域试验和生产示范试验平均脂肪含量24.16%，是黑龙江省1966年以来育成的485个品种中含油量第一个突破24%的品种。

3 大豆分子模块设计育种未来展望

3.1 大豆发展短板分析

（1）大豆单产未有突破进展，显著低于其他主要作物。随着育种技术的发展，我国作物单产都有了不同程度的提高。美国农业部（USDA）统计结果显示③，自20世纪60年代至今，全球小麦、玉米和水稻单产都有了质的提高。小麦平均单产从40—50公斤/亩提高到了约350公斤/亩，水稻从130公斤/亩左右提高到约440公斤/亩，玉米从80公斤/亩左右提高到约400公斤/亩。然而，大豆单产相对增长缓慢，目前平均单产仅约120公斤/亩。

（2）基础平台建设落后，制约大豆科技创新的长远发展。目前，国外已经建立了若干与大豆相关的数据

③ USDA. https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/advQuery.

库，这些数据库整合了大豆基础研究的不同类型成果，例如NCBI、Phytozome、SoyBase、SoyKB、Soy-TFKB、SoyDB等。尤为重要的是，USDA建立了完全免费共享的种质资源数据库，其中涵盖了所收集到的世界各地的大豆种质资源、一系列的重组自交系、单片段替换系，多年多点的系统性状考察及遗传分析结果。这些数据库的建立不仅最大限度地方便了其国内相关科学研究，更重要的是通过数据整合得到了一系列的综合信息，在促进科学研究与生产实践相结合的同时，避免了一些重复性的工作。我国拥有世界上最为丰富的大豆种质资源，大豆基础科学研究也正在逐步赶超国际水平，然而，我们在数据共享方面与国外仍存在较大差距。

（3）大豆研发经费投入低于其他主粮作物。总体上看，大豆研究水平总体低于其他主要作物。我国对大豆研发经费投入较少，是制约我国大豆科技创新的重要原因之一。对近10年国家自然科学基金委员会在水稻、小麦、玉米、大豆4种主要作物研究的资助金额统计表明，水稻获得资助17.65亿元，是资助金额最多的作物，明显高于其他作物；玉米和小麦的资助金额接近，分别为9.23亿元和8.52亿元；大豆的资助金额最少，为4.61亿元，仅为水稻资助金额的26%。对2016—2017年国家重点研发计划中“农林科技”类项目的资助统计表明，水稻的资助项目数量最多，共获得9项资助，合计资助金额为4.05亿元；其次为小麦，共8项，金额为2.85亿元；玉米和大豆的资助项目均为4项，但大豆的资助金额最少，仅为0.89亿元。

3.2 大豆生产未来趋势

（1）我国大豆需求持续增加，缺口逐步加大。随着人口的持续增长，城镇化建设的进一步推进，优良耕地的不断减少和膳食结构的不断升级，我国对粮食的刚性需求还将持续增加。如果我国大豆生产不能实现突破性进展，那么在未来相当长的一段时间内，我国的大豆消费还将依赖进口，并且进口量还将继续增加。咨询公司High Quest Partners预测④，到2020年左右，世界大豆年产量需再增加1亿吨才能满足全球需求，而我国大豆消费量将占全球总产量的1/3。

（2）增强大豆生产能力是解决我国大豆需求的根本途径。目前，我国的进口大豆主要来源于巴西、美国和阿根廷。然而，巴西和阿根廷的大豆种子基本来源于美国种业，所以从某种意义上讲，我国大豆进口90%以上受控于美国种业，这极大地影响了我国的大豆产业乃至粮食安全。一方面，大豆高进口比例会导致我国食物结构和供给的不稳定。我国进口大豆主要用于榨油和生产豆粕。豆粕在饲料生产原材料中所占的比例在25%左右，进口大豆会影响38 000多万吨饲料生产，进而影响近亿吨肉类生产。一旦国际形势变化影响到大豆进口，国内消费者对肉蛋油奶的需求必然得不到满足。另一方面，大豆定价权完全掌控于国外。历史上已有若干次因为大豆产量变化导致大豆价格剧烈波动的情况，最明显的包括2003—2004年、2006—2008年、2010—2012年的大豆减产（甚至包括预期减产）。几次产量变化都致使大豆价格在短期内飙升1—3倍。

综合而言，我国大豆目前的主要问题在于粮食生产能力不足与我国粮食总需求之间的矛盾。从长远发展来看，增强大豆生产能力，是解决我国大豆需求、保障国家粮食安全的根本途径。

3.3 大豆科技未来展望

（1）开展高产突破性技术研究，实现大豆“绿色革命”。单产低是我国大豆面临的最大困境，所以提高大豆单产是扭转我国大豆被动局面的首要任务。在过去几十年中，水稻、小麦、玉米等作物单产的提高很大程度上得益于半矮秆基因和杂种优势等“绿色革命”技术的突破。对于大豆而言，虽然育种学家在过去的育种过程中针对一些性状进行了改良，单产有了一定的提高，但

④ Global AgInvesting. Key Fundamentals driving investor interest in global agriculture. https://www.craaq.qc.ca/documents/files/Evenements/EPER1401/04_Laperouse_Philippe_ang.pdf.

尚未形成突破性技术，大豆单产并未实现质的提高。未来我们应大胆开拓创新思维，开展大豆超高产的分子基础和育种技术研究，创制革命性品种，实现大豆的“绿色革命”。

（2）开展大豆耐逆适应性研究，增加大豆种植面积。耕地面积是保障粮食生产的首要因素，除了18亿亩红线耕地外，我国还有11.7亿亩的盐碱、滩涂、高寒、高旱等边际土地可改造使用，这为我国大豆发展提供了新方向。此外，通过开拓新的海外大豆市场，如非洲、拉美等，丰富大豆进口来源地，也是解决我国大豆进口渠道单一的重要途径之一。这些都需要加强大豆耐逆适应性（如抗旱、耐盐碱、广适性等）研究，从而拓展大豆种植区域，增加大豆生产能力。

（3）研发豆粕替代饲料，以缓解大豆缺口对下游产业的冲击和影响。豆粕饲料是我国大豆的最主要用途，我们应加大豆粕替代饲料研发，以解决大豆缺口对下游产业的冲击和影响。近年来我国饲草产业快速发展，可在一定范围内替代豆粕，如苜蓿、甜高粱、棉籽粕、菜籽粕等。但是，目前这些替代品还需要添加别的产品，并进行合理搭配，才能取得好的效果。饲用大豆虽然已展现了很好的应用前景，但其相应的品种还很少，且配套技术匮乏。加强饲用大豆选育，并及时应用于畜牧生产，也是解决我国大豆缺口的重要途径之一。

（4）加快分子设计育种创新体系建设，赶超国外大豆生产。科学技术是第一生产力。随着分子生物学、基因组学、系统生物学、合成生物学等学科的快速发展和生物技术的不断进步，多学科联合催生的分子设计育种技术是现代育种一次新的变革，使得我们和国际处于一个相对接近的新起跑线。因此，分子设计育种创新体系建设为我国育种技术发展带来了新的机遇。抓住机遇，加快分子设计育种创新体系建设，将引领大豆育种实现跨越式发展，从而有机会赶超国外大豆生产。

（5）推动人工智能育种技术的发展，引领大豆育种技术的创新。人工智能为未来育种技术的革新提供了巨大的契机，也成为我国引领国际大豆育种技术创新的一个新机遇。通过三维大豆形态模拟重建表型关联基因组学，将实现计算机数字化模拟基因不同组合方式下的植株表型特征，这将会带来育种技术的新变革。实现人工智能育种方案的设计，将极大推动我国由传统育种及分子设计辅助育种向人工智能育种的转变，可以针对不同区域智能培育高产、优质、多抗品种。同时，人工智能育种系统的高效性，能够极大加速新品种培育的速度。人工智能育种技术的理论和技术体系的建立，将使我国处于国际育种技术的前列。

（6）加大种质资源的系统评价、挖掘利用、创制与共享。大力开展种质资源研究与创新，开展我国特有野生资源的基因组、表型组分析，构建大豆育种核心资源数据库，分析大豆优异亲本形成的系谱特征及其遗传演变规律，深入解析大豆的起源与进化路径，为大豆发展奠定基础材料。

（7）推动自主性整合公共数据库建设，健全数据共享机制。整合各种组学数据，建立系统的整合型公共数据库，实现公共数据库实时性、系统性、高效性、共享性，为功能基因组和种质创新奠定基础。

（8）组建大豆创新国家实验室。以国家重大需求为导向，整合目前各机构的优势力量，完善大豆科技创新链的研发布局。通过国家实验室的建设和人才培养，进一步提高我国大豆科技原始创新能力，实现大豆产业的高质量发展。

参考文献

1 Lu S J, Zhao X H, Hu Y L, et al. Natural variation at the soybean *J* locus improves adaptation to the tropics and enhances yield. Nature Genetics, 2017, 49(5): 773-779.

2 Lu X, Xiong Q, Cheng T, et al. A *PP2C-1* allele underlying a quantitative trait locus enhances soybean 100-seed weight. Molecular Plant, 2017, 10: 670-684.

3 Gu Y Z, Li W, Jiang H W, et al. Differential expression of a *WRKY*

gene between wild and cultivated soybeans correlates to seed size. Journal of Experimental Botany, 2017, 68(11): 2717-2729.

4 Gao J, Yang S, Cheng W, et al. GmILPA1, encoding an APC8-like protein, controls leaf petiole angle in soybean. Plant Physiology, 2017, 174 (2): 1167-1176.

5 Zhou Z, Jiang Y, Wang Z, et al. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean. Nature Biotechnology, 2015, 33: 408-414.

6 Li Q, Lu X, Song Q, et al. Selection for a Zinc-Finger protein contributes to seed oil increase during soybean domestication. Plant Physiology, 2017, 173 (4): 2208-2224.

7 Zhao M, Gu Y Z, He L, et al. Sequence and expression variations suggest an adaptive role for the *DA1*-like gene family in the evolution of soybeans. BMC Plant Biology, 2015, 15(1): 120.

8 Fang C, Li C, Li W, et al. Concerted evolution of *D1* and *D2* to regulate chlorophyll degradation in soybean. Plant Journal, 2014, 77: 700-712.

9 Zhao M, He L L, Gu Y Z, et al. Genome-wide analyses of a plant-specific LIM-domain gene family implicate its evolutionary roles in plant diversification. Genome Biology and Evolution, 2014, 6(4): 1000-1012.

10 Wang Z, Zhou Z, Liu Y, et al. Fnctional evolution of phosphatidylethanolamine-binding proteins in soybean and *Arabidopsis*. Plant Cell, 2015, 27: 323-336.

11 Gu Y Z, Xing S L, He C Y. Genome-wide analysis indicates lineage-specific gene loss during papilionoideae evolution. Genome Biology and Evolution, 2016, 8(3): 635-648.

12 Wang Y, Gu Y Z, Gao H H, et al. Molecular and geographic evolutionary support for the essential role of *GIGANTEAa* in soybean domestication of flowering time. BMC Evolutionary Biology, 2016, 16: 79.

13 Li Q, Fang C, Duan Z, et al. Functional conservation and divergence of *GmCHLI* genes in polyploidsoybean. Plant Jorunal, 2016, 88: 584-596.

14 Fang C, Ma Y, Wu S, et al. Genome-wide association studies dissect the genetic networks underlying agronomical traits in soybean. Genome Biology, 2017, 18: 161-174.

Update and Perspect of Soybean Molecular Module-based Designer Breeding in China

TIAN Zhixi[1*]　LIU Baohui[2]　YANG Yanping[3]　LI Ming[1]　YAO Yuan[4]　REN Xiaobo[4]　XUE Yongbiao[1]

(1 Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China;

2 Northeast Institute of Geography and Agroecology, Chinese Academy of Sciences, Harbin 150081, China;

3 National Science Library, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China;

4 Bureau of Major R&D Programs, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100864, China)

Abstract Soybean is one of the most economically important leguminous seed crops that provide the majority of plant proteins, and more than a quarter of the world’s food and animal feed. At present, the soybean breeding technology in China mainly relys on conventional breeding, and the levels of both fundamental study and production lag behind those of the United States. Supported by “Innovative System of Designer Breeding by Molecular Modules”, one of the strategic priority research programs of Chinese Academy of Sciences, Chinese soybean scientists have dissected several important molecular modules controlling yield and seed quality, revealed the coupling mechanisms of diverse

*Corresponding author

molecular modules, bred a series of designer soybean varieties for field tests or regional trials, which together to establish the first-generation molecular module-based designer breeding systems in soybean. In the future, we should continue to strengthen germplasm resources evaluation and exploitation system, promote autonomy public database building, improve the data sharing mechanism, vigorously develop breakthrough technologies for high and stable yield soybean and for soybean replacement feed crops, speed up the molecular design breeding and artificial intelligence breeding systems, cultivate breakthrough soybean varieties, develop green and efficient cultivation techniques. With these studies, it is expected to enhance the soybeans production capacity and relieve soybean demand gap in China.

Keywords soybean, breeding technology, molecular module-based designer breeding, molecular module, module coupling and assembly



田志喜 中国科学院遗传与发育生物学研究所研究员，博士生导师。2012年入选中国科学院“百人计划”，2012年度获“优秀青年科学基金”资助，2015年度获“国家杰出青年科学基金”资助，2012年获得“中国科学青年之星金奖”，2016年获得“第十四届中国青年科技奖”，2017年获得“中青年科技创新领军人才”，2017年获得第三批国家“万人计划”领军人才。主要研究方向为大豆功能基因组研究，在*Nature Biotechnology*、*Nature Genetics*、*Nature Communications*等杂志发表通讯作者论文30余篇。被聘为《中国科学》《作物学报》以及*Frontiers in Plant Genetics and Genomics*等编委。E-mail: zxtian@genetics.ac.cn

TIAN Zhixi Researcher, Ph.D. Advisor at Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences (CAS). He was selected into Hundred Talents Program of CAS, and sponsored by Excellent Young Scientists Fund in 2012. He was awarded National Science Fund for Distinguished Young Scholars in 2015. He won the gold medal of China Youth Science Stars in 2012, 14th China Youth Science and Technology Award in 2016, Youth Science and Technology Innovation Leader Award in 2017, and third batch of Ten Thousand Plan in 2017. His research interests mainly focus on soybean functional genomics and molecular and breeding. His group has made breakthrough contributions in dissection of the molecular modules and revealing of the coupling mechanisms of diverse molecular modules that control the complex traits in soybean. As the cooresponding authors, he has published more than 30 papers at *Nature Biotechnology*, *Nature Genetics*, *Nature Communications*, etc. He also serves as Editor for *SCIENCE CHINA Life Sciences*, *Acta Agronomica Sinica*, *Frontiers in Plant Genetics and Genomics*, *PLoS ONE*, and *Soybean Science*. E-mail: zxtian@genetics.ac.cn

■责任编辑：张帆